

木薯种质的遗传多样性评价及高产种质初级筛选

薛月寒¹, 吴文婧¹, 叶剑秋², 李开绵², 黄东益³

(¹海南大学农学院, 海口 570228; ²中国热带农业科学院品种资源研究所, 儋州 571737; ³海南大学 211 工程办公室, 海口 570228)

摘要: 为加强木薯现有选育材料和引进种质的研究利用, 本研究以主栽品种 SC8 和 SC205 为对照, 对 142 份选育材料和 8 份瑞士引进新种质进行了 16 个表型性状的鉴定和 EST-SSR 标记, 分析和评价其遗传多样性; 运用主成分分析法挖掘高产木薯种质。分子标记聚类分析表明种质间的遗传相似系数均值为 0.652, 基于表型性状的聚类遗传相似系数均值为 0.186, 2 种聚类结果之间差异显著, 但均表明种质间有一定的遗传差异。2 年产量相关性状调查结果差异极显著, 表明受环境影响较大。产量相关性状的主成分分析结果表明, C322 综合评价表现最好, G74 综合评价表现最差, 同时, 有 47 份选育材料的综合评价优于 2 份对照。在今后杂交育种工作中可选择亲缘关系较远且表型差异互补的种质作为杂交亲本, 以进一步聚合优良性状, 改良不利性状。

关键词: 木薯; EST-SSR; 表型性状; 遗传多样性; 种质筛选

Genetic Diversity Evaluation of Cassava and Primary Screening of High-yielding Germplasm

XUE Yue-han¹, WU Wen-qiang¹, YE Jian-qiu², LI Kai-mian², HUANG Dong-yi³

(¹College of Agriculture Hainan University, Haikou 570228; ²Tropical Crops Genetic Resources Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Danzhou 571737; ³Hainan University 211 Project Office, Haikou 570228)

Abstract: In order to research and utilize the breeding materials and introduced germplasm of cassava, we selected the cultivars SC8 and SC205 as control, analyzed 16 phenotype traits and evaluated the genetic diversity of 142 breeding materials and 8 Switzerland introduced germplasms, and hoped to find high-yield cassava resources using principal component analysis. The results showed that the average genetic similarity among the germplasms was 0.652, while phenotypic traits-based clustering genetic similarity coefficient was 0.186. The two clustering results were significantly different, but the results showed that all of the materials had abundant genetic differences. The two years study of yield-related traits indicated the significant difference. Meanwhile, it showed the environment influenced the results. The principal component analysis of yield-related traits showed that the best comprehensive evaluation of the performance was C322, and G74 was the worst. Meanwhile, there were 47 breeding materials superior to the two controls in comprehensive evaluation. Distantly related and complementary phenotypic differences materials could be selected in the future cross-breeding work and as hybrid parents, to further polymerize good traits and improve adverse traits.

Key words: cassava; EST-SSR; phenotypic traits; genetic diversity; germplasm screening

木薯 (*Manihot esculenta* Crantz), 又名木番薯、树番薯, 是热带、亚热带地区近 5 亿人口的主要粮食来源, 也是重要的热带能源作物^[1]。中国热带农业科学院品种资源研究所建立了我国保存数量最多的木

薯种质圃, 收集保存了国内外木薯种质 500 多份, 育种中间材料 5000 多份, 选育出了华南 8 号等一系列高产、高淀粉木薯新品种并已在种植区广泛推广^[2]。由于木薯基因高度杂合, 自交后代严重衰

收稿日期: 2013-04-11 修回日期: 2013-05-13 网络出版日期: 2013-12-19

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20131219.1307.019.html>

基金项目: 科技部重大基础研究(“973”)项目(2010CB126606); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(1630032012011)

第一作者研究方向为作物遗传育种。E-mail: xyh2013@gmail.com

通信作者: 黄东益, 研究方向为作物遗传育种、生物化学与分子生物学。E-mail: hdongyi@126.com

吴文婧, 研究方向为作物遗传育种。E-mail: Wqiang_81@qq.com

退,杂交后代产生性状强烈分离,造成优质品种选育困难,阻碍了木薯产业的发展。了解木薯群体的遗传多样性有利于选择不同的亲本组合,形成杂种优势,提高育种效果,达到木薯品种改良的目的。

随着现代分子生物学的发展,利用分子标记技术进行辅助选择育种已成为作物育种工作中的重要发展方向之一^[3]。以表达序列标签(EST, expressed sequence tag)为基础的分子标记是一种新型分子标记,具有开发简便、信息量高、通用性好等^[4]优点,EST来自转录区,EST-SSR正好反映了生物基因表达转录部分,EST-SSR标记技术又同时具备了SSR技术的操作简单、特异性强、重复性好等特点,现已被广泛应用于木薯的遗传多样性分析^[5-7]、遗传连锁图谱的构建^[8]、品种鉴定和种质评价等多个方面。目前国内综合利用分子标记和表型性状聚类进行木薯种质遗传多样性研究并进行综合评价的报道较少。中国热

带农业科学院品种资源研究所经过多年的杂交育种,选育出一批优良木薯种质。本研究以我国木薯主栽品种SC205和SC8为对照,主要针对选育出的142份高级优良品系和8份瑞士引进种质进行2年表型性状的考察,并通过表型性状和分子标记进行遗传多样性的聚类分析,以期了解这些种质的遗传背景。通过综合评价挖掘高产且有一定遗传背景差异的种质,为进一步在生产上推广应用奠定基础,也为我国木薯种质资源的保护和木薯杂交育种工作提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 材料

本研究所用木薯种质均来自中国热带农业科学院品种资源研究所木薯种质资源圃。材料名称、类型及来源见表1(以同一字母开头的材料代表同一年份选育的优良品系)。

表1 152份木薯种质材料名称、类型和来源

Table 1 Names, types, and sources of the 152 cassava germplasm

编号 Code	名称 Name	类型 Type	来源 Source	编号 Code	名称 Name	类型 Type	来源 Source
1	E487	育种中间材料	海南儋州	28	D92	育种中间材料	海南儋州
2	E307	育种中间材料	海南儋州	29	D378	育种中间材料	海南儋州
3	E18	育种中间材料	海南儋州	30	D162	育种中间材料	海南儋州
4	E715	育种中间材料	海南儋州	31	D395	育种中间材料	海南儋州
5	E316	育种中间材料	海南儋州	32	D344	育种中间材料	海南儋州
6	E217	育种中间材料	海南儋州	33	D784	育种中间材料	海南儋州
7	E1340	育种中间材料	海南儋州	34	D505	育种中间材料	海南儋州
8	E1169	育种中间材料	海南儋州	35	D978	育种中间材料	海南儋州
9	E417	育种中间材料	海南儋州	36	D346	育种中间材料	海南儋州
10	E985	育种中间材料	海南儋州	37	D399	育种中间材料	海南儋州
11	E661	育种中间材料	海南儋州	38	D774	育种中间材料	海南儋州
12	E333	育种中间材料	海南儋州	39	D578	育种中间材料	海南儋州
13	E186	育种中间材料	海南儋州	40	D25	育种中间材料	海南儋州
14	E339	育种中间材料	海南儋州	41	D698	育种中间材料	海南儋州
15	E1395	育种中间材料	海南儋州	42	D531	育种中间材料	海南儋州
16	E260	育种中间材料	海南儋州	43	D725	育种中间材料	海南儋州
17	E508	育种中间材料	海南儋州	44	D980	育种中间材料	海南儋州
18	E239	育种中间材料	海南儋州	45	D898	育种中间材料	海南儋州
19	E807	育种中间材料	海南儋州	46	D910	育种中间材料	海南儋州
20	E632	育种中间材料	海南儋州	47	D801	育种中间材料	海南儋州
21	E415	育种中间材料	海南儋州	48	C511	育种中间材料	海南儋州
22	E1356	育种中间材料	海南儋州	49	C1022	育种中间材料	海南儋州
23	E291	育种中间材料	海南儋州	50	C715	育种中间材料	海南儋州
24	D804	育种中间材料	海南儋州	51	C1063	育种中间材料	海南儋州
25	D14	育种中间材料	海南儋州	52	C381	育种中间材料	海南儋州
26	D692	育种中间材料	海南儋州	53	C1040	育种中间材料	海南儋州
27	D361	育种中间材料	海南儋州	54	C680	育种中间材料	海南儋州

表 1(续)

编号 Code	名称 Name	类型 Type	来源 Source	编号 Code	名称 Name	类型 Type	来源 Source
55	C67	育种中间材料	海南儋州	104	F267	育种中间材料	海南儋州
56	C478	育种中间材料	海南儋州	105	F978	育种中间材料	海南儋州
57	C99	育种中间材料	海南儋州	106	F709	育种中间材料	海南儋州
58	C1030	育种中间材料	海南儋州	107	F106	育种中间材料	海南儋州
59	C1035	育种中间材料	海南儋州	108	F50	育种中间材料	海南儋州
60	C814	育种中间材料	海南儋州	109	F777	育种中间材料	海南儋州
61	C559	育种中间材料	海南儋州	110	F847	育种中间材料	海南儋州
62	C737	育种中间材料	海南儋州	111	F81	育种中间材料	海南儋州
63	C728	育种中间材料	海南儋州	112	F252	育种中间材料	海南儋州
64	C1028	育种中间材料	海南儋州	113	F716	育种中间材料	海南儋州
65	C918	育种中间材料	海南儋州	114	F520	育种中间材料	海南儋州
66	C349	育种中间材料	海南儋州	115	F114	育种中间材料	海南儋州
67	C1091	育种中间材料	海南儋州	116	F5	育种中间材料	海南儋州
68	C974	育种中间材料	海南儋州	117	F10	育种中间材料	海南儋州
69	C608	育种中间材料	海南儋州	118	G3	育种中间材料	海南儋州
70	C222	育种中间材料	海南儋州	119	G65	育种中间材料	海南儋州
71	C1036	育种中间材料	海南儋州	120	G74	育种中间材料	海南儋州
72	C18	育种中间材料	海南儋州	121	G53	育种中间材料	海南儋州
73	C322	育种中间材料	海南儋州	122	G15	育种中间材料	海南儋州
74	C720	育种中间材料	海南儋州	123	G18	育种中间材料	海南儋州
75	C1059	育种中间材料	海南儋州	124	G8	育种中间材料	海南儋州
76	C968	育种中间材料	海南儋州	125	G59	育种中间材料	海南儋州
77	F100	育种中间材料	海南儋州	126	G16	育种中间材料	海南儋州
78	F821	育种中间材料	海南儋州	127	G37	育种中间材料	海南儋州
79	F701	育种中间材料	海南儋州	128	G69	育种中间材料	海南儋州
80	F957	育种中间材料	海南儋州	129	G19	育种中间材料	海南儋州
81	F434	育种中间材料	海南儋州	130	G70	育种中间材料	海南儋州
82	F11	育种中间材料	海南儋州	131	G22	育种中间材料	海南儋州
83	F652	育种中间材料	海南儋州	132	G71	育种中间材料	海南儋州
84	F532	育种中间材料	海南儋州	133	G44	育种中间材料	海南儋州
85	F1000	育种中间材料	海南儋州	134	G17	育种中间材料	海南儋州
86	F181	育种中间材料	海南儋州	135	G51	育种中间材料	海南儋州
87	F359	育种中间材料	海南儋州	136	G29	育种中间材料	海南儋州
88	F556	育种中间材料	海南儋州	137	G27	育种中间材料	海南儋州
89	F696	育种中间材料	海南儋州	138	G30	育种中间材料	海南儋州
90	F539	育种中间材料	海南儋州	139	G75	育种中间材料	海南儋州
91	F15	育种中间材料	海南儋州	140	G218	育种中间材料	海南儋州
92	F376	育种中间材料	海南儋州	141	G25	育种中间材料	海南儋州
93	F44	育种中间材料	海南儋州	142	G34	育种中间材料	海南儋州
94	F321	育种中间材料	海南儋州	143	瑞士 D23	引进品种	瑞士
95	F1014	育种中间材料	海南儋州	144	瑞士 T7	引进品种	瑞士
96	F244	育种中间材料	海南儋州	145	瑞士 V5	引进品种	瑞士
97	F901	育种中间材料	海南儋州	146	瑞士 P11	引进品种	瑞士
98	F648	育种中间材料	海南儋州	147	瑞士 B25	引进品种	瑞士
99	F961	育种中间材料	海南儋州	148	瑞士 L15	引进品种	瑞士
100	F499	育种中间材料	海南儋州	149	瑞士 H19	引进品种	瑞士
101	F1015	育种中间材料	海南儋州	150	瑞士 K16	引进品种	瑞士
102	F154	育种中间材料	海南儋州	151	SC8	选育品种	海南儋州
103	F757	育种中间材料	海南儋州	152	SC205	选育品种	海南儋州

试验所用引物均由中国热带农业科学院生物技术研究所王文泉实验室开发,上海生工生物技术公司合成,PCR 反应所用 $2 \times$ Power Taq PCR MasterMix 为百泰克公司生产,购于海南青鸟生物公司。

1.2 方法

1.2.1 EST-SSR 标记检测 采用改良 CTAB 法提取木薯 DNA^[9],于 160 对引物中筛选出 114 对多态性引物进行 PCR 扩增。PCR 反应体系(20 μ L): $2 \times$ Mix 10 μ L;Primer-F 1 μ L;Primer-R 1 μ L;50 ng/ μ L DNA 模板 1 μ L;ddH₂O 7 μ L。PCR 反应程序为:94 $^{\circ}$ C 预变性 4 min;94 $^{\circ}$ C 变性 45 s,退火温度(T_m ,根据引物不同而变化)45 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min,35 个循环;72 $^{\circ}$ C 终延伸 5 min;4 $^{\circ}$ C 保存。扩增产物用 10% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,银染检测。

1.2.2 表型性状鉴定 供试材料于 2011 年和 2012 年在海南省临高市南宝基地种植。其中,2011 年遭遇强台风“纳沙”的侵袭,部分木薯种质倒伏。田间试验分为 3 个区组,每个区组为 1 个重复,每个小区种植 5 个单株,行距 1 m,株距 0.8 m,区组内小区随机区组排列。表型性状包括株高、薯块数、鲜薯块重、收获指数、干物质率 5 个产量相关性状和叶柄颜色、叶脉颜色、叶形、主茎内外皮颜色、块根内外皮颜色、幼茎颜色、结薯集中度、表皮(粗糙或光滑)、有无缢痕 11 个形态学标记,其鉴定标准参照《木薯种质资源形态图谱》^[10]进行测定,产量相关性状每年每份种质每个小区测量 3 株。

1.2.3 数据分析 根据 EST-SSR 标记等位变异的有无赋值,在相同等位基因处,有带记为 1,无带记为 0,缺失记为 2。表型性状数据使用 DPS 软件剔除异常值,缺失数据均用 999 表示。分子及表型性状数据均采用 NTSYS-PC 2.10e 软件计算样本间遗传相似系数,运用 MXCOMP 程序对遗传相似系数进行相关性分析,UPGMA(unweighted pair-group method with arithmetic means)法进行遗传聚类。

使用 DPS 软件分析 2 年产量相关数据,统计平均值、标准差、最大值、最小值和变异系数。使用 SPSS 18.0 软件平均值比较的单因素方差,分析 2 年数据间是否具有显著性差异,绘制性状频率分布图及正态拟合曲线,并对产量相关性状进行主成分分析。主成分分析特征值定为 0.85,将 2 年 5 个性状的数值看作 10 个性状数据,最终将 10 个性状合并为 5 个主成分,并导出公因子,采用模糊数学中的隶属函数分析法对 152 个木薯品种进行产量相关性状

综合分析。

(1)隶属函数值 $U(X_j) = (X_j - X_{min}) / (X_{max} - X_{min})$, $j = 1, 2, 3, \dots$ 式中, X_j 为经过主成分分析后的第 j 个因子的得分值, X_{min} 表示第 j 个因子得分最小值, X_{max} 表示第 j 个因子得分最大值。

(2)权重

$W_j = P_j / \sum_{j=1}^n P_j$, $j = 1, 2, 3, \dots$ 式中, w_j 表示第 j 个公因子在所有公因子中的重要程度, P_j 为各木薯品种第 j 个因子的贡献率。

(3)综合评价值

$D = \sum_{j=1}^n [U(X_j) \times W_j]$, $j = 1, 2, 3, \dots$ 式中 D 值为 152 个木薯种质使用综合指标测定所得的耐低氮(即氮效率)综合评价值。综合评价值越高,说明种质的产量相关性状综合表现越好,而且在 2 年间均表现优良。

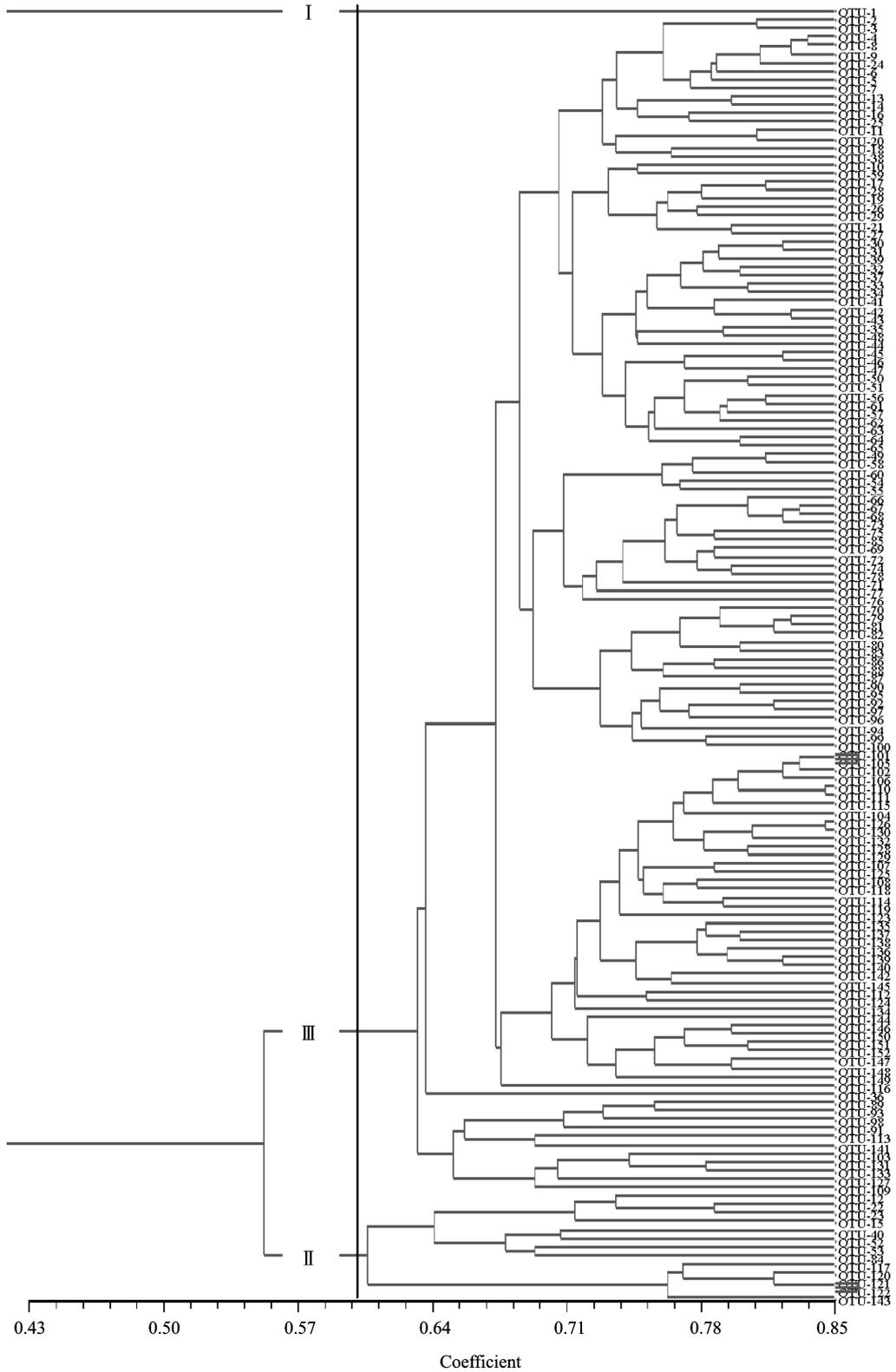
2 结果与分析

2.1 分子标记聚类分析

利用 NTSYSpc 2.10e 软件计算木薯种质样本间的遗传相似系数(GS),输出遗传相似系数矩阵。结果表明样本间遗传相似系数的变化范围在 0 ~ 0.853 之间,均值为 0.652,其中 G15 和 G53 以及 F978 和 F1015 之间的相似系数最高,为 0.853。运用 UPGMA 法对木薯种质进行基于分子标记的聚类分析,得到其聚类分析树状图(图 1)。由图 1 可知,以 $GS = 0.598$ 为阈值,可将所有种质划分为 3 个类群,类群 I 仅包括 E487 1 份种质;类群 II 包括 C381、C1040、D25、E291、E333、E1356、E1395、F10、F532、G15、G53、G74 和瑞士 D23 共 13 份种质,SC8、SC205 和其余种质被划分为类群 III。绝大多数种质的两两遗传相似系数大于 0.640。

2.2 表型性状的聚类分析

使用 NTSYSpc 2.10e 软件对表型性状数据进行标准化处理后,输出供试种质的遗传相似系数矩阵,计算相似系数均值,使用 UPGMA 法对样本进行遗传聚类。结果表明(图 2),基于表型性状下的样本 GS 变幅为 0 ~ 0.476,GS 的均值为 0.186,其中 G30 和 F244、G74 和 E260、F376 和 D725 之间的相似系数均为 0.476。以 $GS = 0.140$ 为阈值可将群体分为 5 类,E487 为第一类群,C1040 为第二类群,D531 和 G65 为第三类群,E333 单独分为第四类群,其他样本划分为第五类群。在 $GS = 0.177$ 处,又将第五类群划分为 3 个亚群。第 I 亚群包括 C715、C918、



品种编号同表 1, 下同

The variety number were showed in table 1, the same as below

图 1 基于 EST-SSR 分子标记的 152 份种质聚类分析树状图

Fig. 1 152 germplasm tree clustering analysis based on EST-SSR

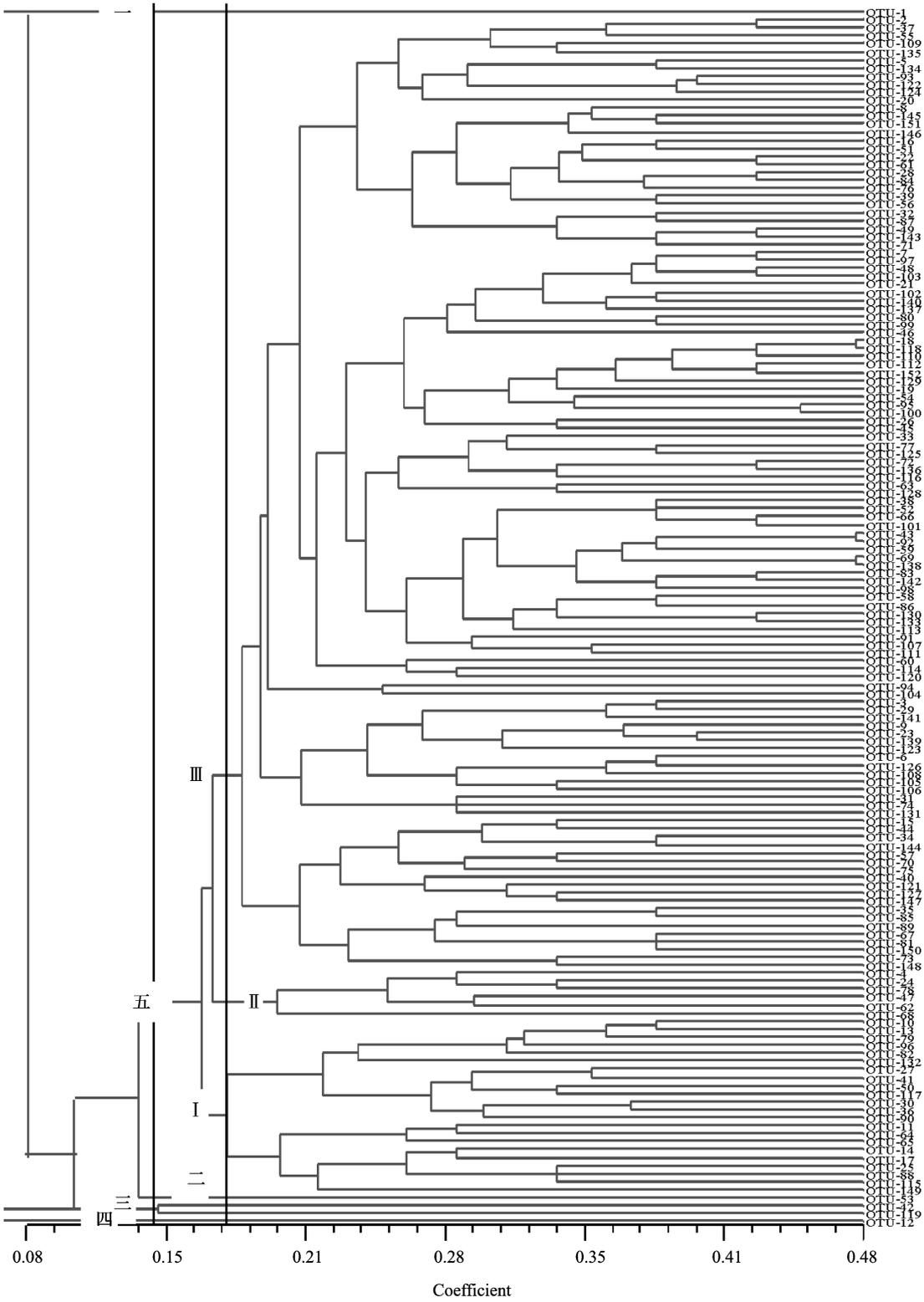


图 2 基于表型性状的 152 份种质聚类分析树状图

Fig. 2 152 germplasm tree clustering analysis based on phenotypic traits

C1028、D14、D162、D346、D361、D698、E186、E339、E508、E661、E985、F10、F11、F114、F244、F539、F556、F701、G71 和瑞士 H19 共 22 份种质;第 II 亚群包括 C737、C974、D801、D804、E715、F821 共 6 份种质,SC8、SC205 和其他种质归为第 III 亚群。

结合表型性状数据分析得出,第一类群的 E487 的薯块重和薯块数均高于平均水平,干物质率与平均水平持平且主茎颜色能与第二、三、四类明显区分;第二类群 C1040 薯块重和薯块数均和平均水平持平,干物质率明显高于平均水平;第三类群 D531 和 G65 薯块重、薯块数、干物质率均略高于均值;第四类群 E333 株高最低,第五类群中第 II 亚群除收

获指数外其他指标均高于第 I 和第 III 亚群。每一群体或亚群在表型性状的表现上均有其特点。

2.3 分子标记和表型性状遗传多样性比较

运用 NTSYSpc 2.10e 软件的 MXCOMP 子程序对两种聚类方式的遗传相似系数矩阵进行 MANTEL 检验,分析两个矩阵的相关性,输出其相似系数比较图(图 3)。结果表明,相关性 $r = 0.20923$, P 值未达到显著性水平,表型性状鉴定分析结果的遗传多样性水平明显高于分子标记分析结果,两种聚类结果之间差异显著,同一年份选育的优良品系在两种结果中聚类结果无明显一致性,引自瑞士的 8 份种质也未能单独划为一类。

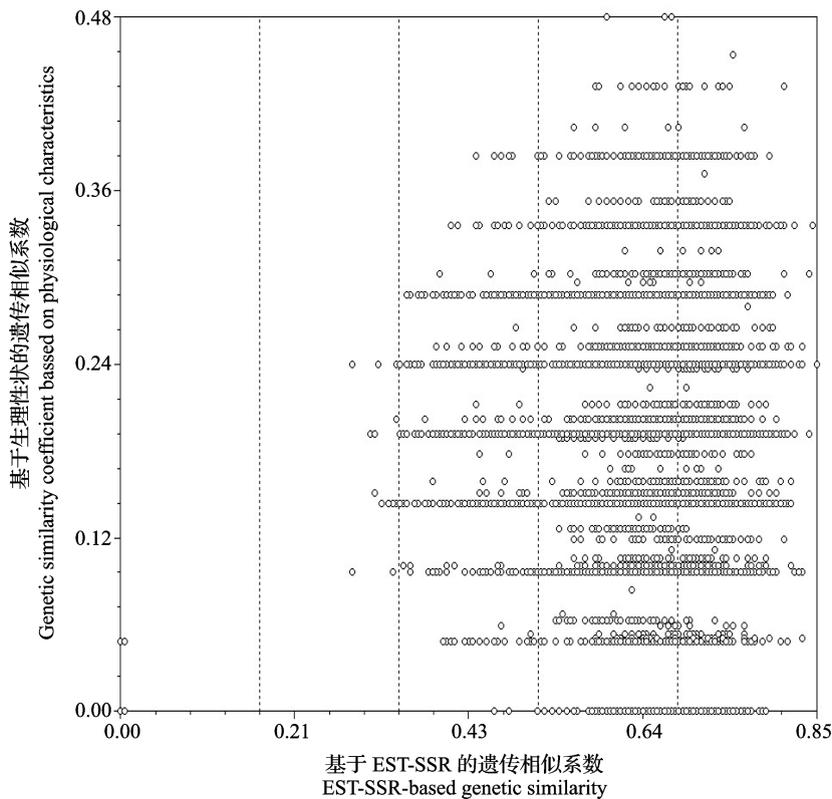


图 3 分子标记和表型性状遗传相似系数比较图

Fig. 3 Genetic similarity coefficient chart of molecular markers and phenotypic traits

2.4 产量相关性状基本参数统计分析

本研究着重考察了木薯种质群体的产量相关性状,并对 2 年的产量相关性状进行基本参数统计分析(表 2),在 2 年重复调查的 5 个产量相关性状中,鲜薯块重的种质间变异系数均最大,其次是薯块数,株高和干物质率的变异系数较低,表明鲜薯块重和薯块数在种质间的差异比较大,而株高和干物质率在种质间的变化范围相对较小。2 年调查的产量相关性状均是极显著差异(表 3),2011 年收获指数和薯块数均明显高于 2012 年平均水平,同时 2012 年

薯块鲜重均值、干物质率和株高水平较 2011 年均有所增长。2 年产量相关性状的不同变化趋势,体现了环境因素对产量及其构成因素的不同影响效应。频率分布图(图 4)表明,5 个性状均成连续分布,体现了多基因控制的特点,主栽品种 SC8 和 SC205 所在分组频率大小,大于 2 个品种所在分组的累积频率大小。以 SC8 和 SC205 为对照,2011 年薯块鲜重高于对照的种质占 42.76%,薯块数、干物质率和收获指数高于对照的种质分别占 13.16%、43.42% 和 18.42%,26.97% 的种质株高低于对照;2012 年

41.45%的种质薯块鲜重高于对照,薯块数、干物质率和收获指数高于对照的种质分别占24.34%、61.18%和15.20%,32.89%的种质株高低于对照。

2.5 木薯产量相关性状综合评价

通过主成分分析法对供试木薯种质5个产量相关性状进行综合评价,结果表明,依据D值大小,排名前10的种质依次为C322、D978、C511、D92、F652、F556、F696、E632、F957和F10,排名位于后10的种质依次为C918、E339、D910、G22、G53、瑞士D23、D578、瑞士T7、瑞士K16和G74。这些种质对于育种和产量性状的遗传学研究均具有重要价值。主栽品种SC205排名48,有31.54%的种质在产量

方面综合评价高于SC205;SC8排名63,41.61%的种质在产量方面综合评价高于SC8。这说明本研究采用的种质材料在产量方面具有很高的应用价值,综合表现优良。由于部分数据缺失,未对E661、F106和G3这3份种质进行主成分分析。

3 讨论

3.1 基于表型和分子标记的遗传多样性评价

本研究通过利用EST-SSR标记技术和表型性状考察对供试152份木薯种质进行聚类分析,表型聚类结果显示种质间差异较大,遗传多样性丰富;分子标记聚类结果显示种质间的遗传相似系数均值为

表2 2011年和2012年产量相关性状基本参数统计

Table 2 Yield-related traits parametric statistics in 2011 and 2012

性状 Characters	年份 Years	最大值 Max.	最小值 Min.	平均值 Mean	标准差 s	极差 R	变异系数(%) CV
薯块数	2011	12.67	4.67	8.41	1.48	8.00	17.63
No. of tubers	2012	9.88	2.60	6.72	1.14	7.28	16.97
株高(cm)	2011	391.83	201.17	290.36	28.88	190.67	9.95
Height	2012	440.29	293.77	358.83	26.97	146.52	7.52
鲜薯块重(kg)	2011	9.43	1.83	4.49	1.29	7.60	28.74
Tuber weight	2012	10.42	1.05	5.06	1.51	9.37	29.89
收获指数(%)	2011	89.30	31.27	62.78	8.44	58.03	13.44
Harvest index	2012	73.24	21.80	52.44	7.86	51.44	15.00
干物质率(%)	2011	44.16	22.07	36.46	3.44	22.09	9.43
Dry matter rate	2012	47.28	27.76	38.00	3.60	19.52	9.46

表3 2011年和2012年各产量相关性状差异显著性分析

Table 3 Yield-related traits significant difference in 2011 and 2012

性状 Characters		平方和 Squares	自由度 df	均方 MS	F值 F value	显著性 P < 0.05
薯块数	组间	187.674	1.000	187.674	106.041	0.000
No. of tubers	组内	527.407	298.000	1.770		
	总数	715.080	299.000			
株高(cm)	组间	350930.061	1.000	350930.061	443.723	0.000
Height	组内	235681.384	298.000	790.877		
	总数	586611.445	299.000			
鲜薯块重(kg)	组间	44.713	1.000	44.713	22.461	0.000
Tuber weight	组内	593.222	298.000	1.991		
	总数	637.935	299.000			
收获指数(%)	组间	0.922	1.000	0.922	144.267	0.000
Harvest index	组内	1.905	298.000	0.006		
	总数	2.827	299.000			
干物质率(%)	组间	0.012	1.000	0.012	9.076	0.003
Dry matter rate	组内	0.393	298.000	0.001		
	总数	0.405	299.000			

组间代表2年的环境之间;组内代表同一年环境内

Between the groups represented two years environment, group on behalf of the same year environment

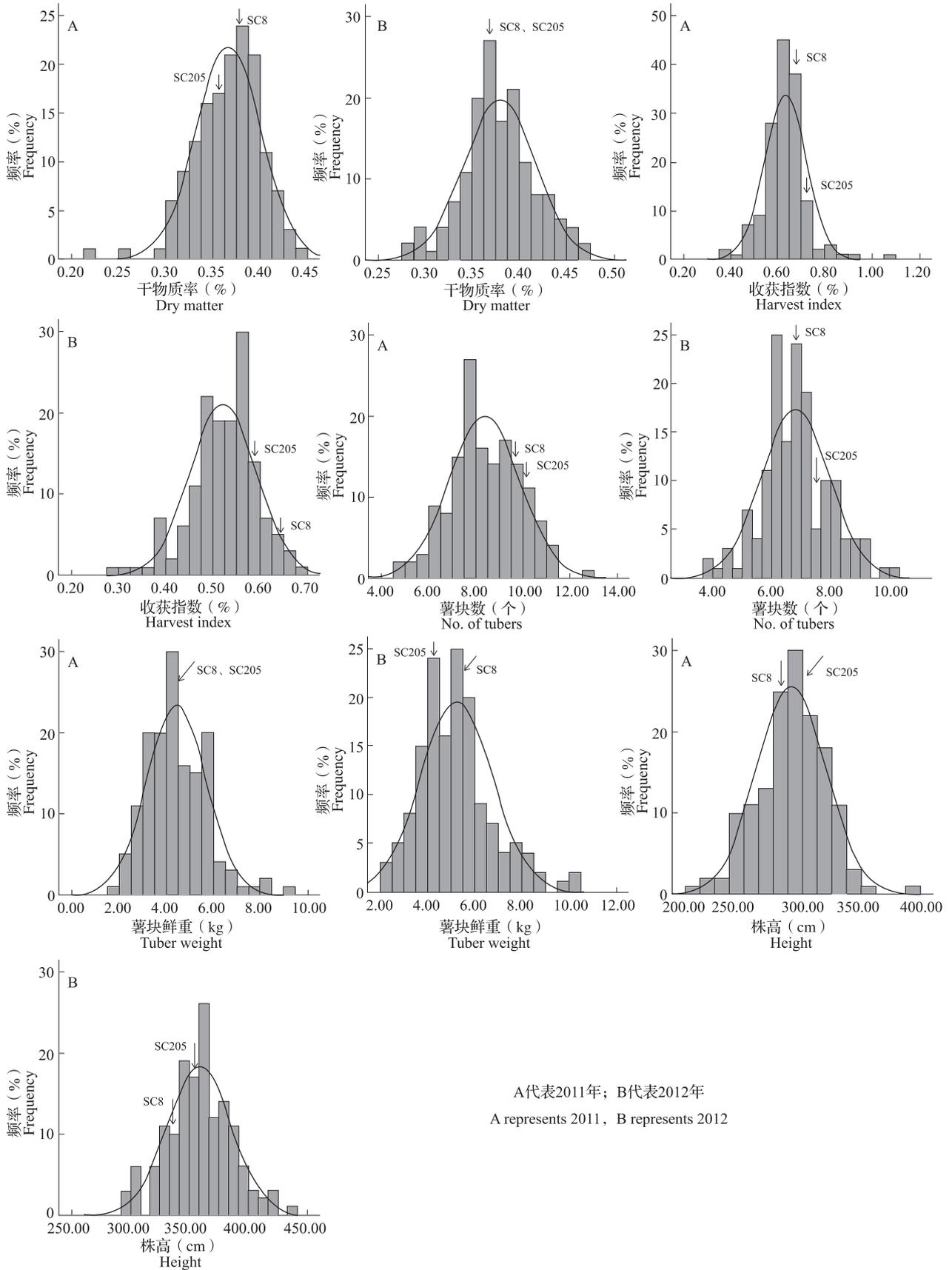


图 4 木薯种质产量相关性状频率分布图

Fig. 4 Cassava germplasm yield-related traits frequency

0.652,反映的种质遗传基础与表型聚类相比较为狭窄。国内外利用分子标记技术研究木薯遗传多样性的报道中,木薯种质遗传基础狭窄的现象普遍存在^[11-14]。两种聚类结果之间有较大差异,这与 E. Marianne 等^[15]、罗霆等^[16]的研究结果一致。其原因可能是由于表型是综合了遗传和环境多种因素的总体表现,而分子标记仅仅是 DNA 水平遗传信息的部分体现,所以二者计算得到的遗传相似度有一定的联系,但是存在较大的差异。

3.2 整合分子标记和表型评价筛选优良种质

本研究中 2 年产量相关性状调查结果差异极显著,表明了产量相关性状受环境影响较大。运用主成分分析法对种质产量相关性状进行综合评价,此种方法已在植物遗传多样性评价中普遍应用^[17-19]。根据本研究产量相关性状综合评价结果,可直接筛选高产优良品系,为木薯高产育种工作提供直观参考。如 C322、C1040 等 24 份种质在 2 年环境中薯块重和综合评价均优于对照种质,在不同环境中的表现稳定性较好。此外,虽然分子标记和表型聚类结果差异较大,但对于育种工作中的种质筛选具有重要的指导意义。分子标记聚类体现的是种质间亲缘关系的远近,而表型聚类体现了群体整体表型性状的分类,两种分析结果的结合有助于选择差异互补品系,指导杂交育种,对杂种优势的利用具有一定的参考意义。本研究中的木薯种质 E487,2 年薯块鲜重、薯块数和干物质率单个指标以及综合评价值均优于对照品种,且分子标记和表型聚类结果与对照品种均显示其亲缘关系较远,整体表现突出,有进一步审定品种的潜力。在育种工作中,可根据木薯育种目标,结合聚类分析,合理选配,以便尽快育出高产、品质优良的木薯新品种,满足生产需求。而综合评价排名较低,整体表现较差的品种则是重要的遗传学材料,可为产量性状的遗传学定位和产量相关基因的功能验证提供构建作图群体的亲本和自然变异材料。

多样性评价是深入挖掘种质资源的三大任务之一,种质资源多样性越高,说明群体内包括的变异就越丰富,从中筛选到优良育种材料的几率就越高。本研究在考察木薯种质资源产量相关性状的同时,结合分子标记的聚类方法,对所采用的 152 份种质资源进行表型多样性分析,然后依据分子标记和表型性状对种质资源亚群情况进行了分析,了解了种质资源群体的表型整体表现和材料间的亲缘关系,并重点关注产量性状,最终采用主成分分析结合隶

属函数的综合评价法对种质资源群体进行综合评比,筛选高产种质。本研究在单个指标和综合指标两个层次挖掘单个指标表现突出和综合表现突出的高产种质,并结合聚类图,分析其可能的应用方式,即直接作为待审品种,作为杂交育种亲本选配的候选材料,作为构建作图群体进行 QTL 定位的作图亲本,作为基因功能验证的自然变异材料等。

参考文献

- [1] Kawano K. Thirty years of cassava breeding for productivity-biological and social factors for success [J]. *Crop Sci*, 2003, 43: 1325-1335
- [2] 叶剑秋. 我国木薯选育种进展 [J]. *热带农业科学*, 2009, 29 (11): 115-119
- [3] 李海渤. 分子标记辅助选择技术及其在作物育种上的应用 [J]. *河北职业技术师范学院学报*, 2002, 16 (4): 68-72
- [4] 李小白, 崔海瑞, 张明龙. EST 分子标记开发及在比较基因组学中的应用 [J]. *生物多样性*, 2006, 14 (6): 541-547
- [5] 韦祖生, 夏志强, 李开绵, 等. 木薯种质库遗传多样性的 EST-SSR 标记 [J]. *热带作物学报*, 2008, 29 (3): 304-309
- [6] Turyagyenda L F, Kizito E B, Ferguson M E, et al. Genetic diversity among farmer-preferred cassava landraces in Uganda [J]. *Afri Crop Sci J*, 2012, 20 (1): 15-30
- [7] Esuma W, Rubaihayo P, Pariyo A, et al. Genetic diversity of provitamin A Cassava in Uganda [J]. *J Plant Studies*, 2012, 1 (1): 60-71
- [8] 孙湘来, 陈新, 文明富, 等. 基于 EST-SSR 的木薯分子标记遗传连锁图谱的构建 [J]. *中国农学通报*, 2011, 27 (9): 231-236
- [9] 闫庆祥, 黄东益. 利用改良 CTAB 法提取木薯基因组 DNA [J]. *中国农学通报*, 2010, 26 (4): 30-32
- [10] 叶剑秋. 木薯种质资源形态图谱 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2011
- [11] 周建国, 李开绵, 叶剑秋. 应用 SRAP 标记研究木薯种质资源的遗传多样性 [J]. *现代农业科学*, 2009, 16 (5): 45-47
- [12] 彭靖茹, 马增凤, 黎萍, 等. 木薯种质资源遗传多态性 SSR 分子标记的研究 [J]. *中国农学通报*, 2012, 28 (6): 58-62
- [13] Kabeya M J, Kabeya U C, Bekele B D, et al. Genetic analysis of selected cassava (*Manihot esculenta*) genetic pool in Africa assessed with simple sequence repeats [J]. *World J Agric Sci*, 2012, 8 (6): 637-641
- [14] da Costa T R, Filho P S V, Goncalves-Vidigal M C, et al. Genetic diversity and population structure of sweet cassava using simple sequence repeat (SSR) molecular markers [J]. *African J Biotech*, 2013, 12 (10): 1040-1048
- [15] Marianne E, Doyle M, Olivier P, et al. Traditional management of cassava morphological and genetic diversity by the Makushi Amerindians (Guyana, South America): perspectives for on-farm conservation of crop genetic resources [J]. *Euphytica*, 2001, 120 (1): 143-157
- [16] 罗霆, 杨守臻, 韦民政, 等. 24 份木薯 (*Manihot esculenta*) 种质的遗传多样性研究 [J]. *热带作物学报*, 2010, 31 (1): 65-71
- [17] 郭丽芬, 徐宁生, 张跃, 等. 云南红花种质资源主要农艺性状的遗传多样性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2012, 13 (2): 219-225
- [18] 陈书霞, 周静, 申晓青, 等. 大蒜种质产量和品质性状主成分聚类分析与综合评价 [J]. *植物遗传资源学报*, 2012, 13 (3): 429-434
- [19] 胡柏林, 万勇, 李霞, 等. 水稻核心种质表型性状遗传多样性分析及综合评价 [J]. *作物学报*, 2012, 38 (5): 829-839